

12 **EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG**

21 Anmeldenummer: 85113875.0

22 Anmeldetag: 31.10.85

51 Int. Cl.⁴: **C 12 N 15/00**, C 12 N 1/20,
 C 12 N 9/84
 // (C12N1/20, C12R1:19,
 C12N9:84, C12R1:19)

30 Priorität: 31.10.84 DE 3439843

43 Veröffentlichungstag der Anmeldung: 07.05.86
 Patentblatt 86/19

64 Benannte Vertragsstaaten: AT BE CH DE FR GB IT LI LU
 NL SE

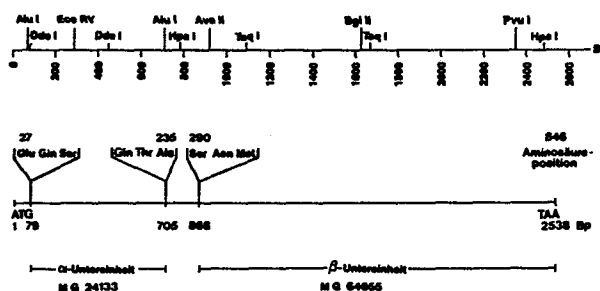
71 Anmelder: **BOEHRINGER MANNHEIM GMBH**,
 Patentabteilung, Abt. E Sandhofer
 Strasse 112-132 Postfach 31 01 20,
 D-6800 Mannheim 31 Waldhof (DE)

72 Erfinder: **Schumacher, Günter, Dr. rer. nat.**,
 Kapellenweg 20, D-8139 Bernried (DE)
 Erfinder: **Buckel, Peter, Dr. rer. nat.**, Pointstrasse 2,
 D-8139 Bernried (DE)

74 Vertreter: **Weickmann, Heinrich, Dipl.-Ing. et al**,
 Patentanwälte Dipl.-Ing. H. Weickmann Dipl.-Phys. Dr.
 K. Fincke Dipl.-Ing. F. A. Weickmann Dipl.-Chem. B. Huber
 Dr.-Ing. H. Liska Dipl.-Phys. Dr. J. Prectel
 Möhlstrasse 22, D-8000 München 80 (DE)

54 **Plasmide zur erhöhten Produktion von Penicillin G-Amidase.**

57 Ein zur Expression von Penicillin-G-Amidase geeignetes Plasmid trägt ein inkomplettes Penicillin-G-Amidase-Gen, dem die ersten 78 Basen der translatierten Region am 5' Ende des kompletten Gens fehlen. Dieses inkomplette Penicillin-G-Amidase-Gen kann auch in Form von zwei getrennten Bruchstücken eingebaut vorliegen, die mit Base 79 bzw. 868 beginnen, gezählt vom Beginn der translatierten Region am 5' Ende des Gens und eine Deletion der kodierenden Basen 705 bis 867 aufweisen. Das Plasmid eignet sich für die Herstellung von Penicillin-G-Amidase.



B e s c h r e i b u n g

Die Erfindung betrifft ein Plasmid, welches zur Expression von Penicillin-G-Amidase geeignet ist, dieses Plasmid enthaltende Mikroorganismen und ein Verfahren zu seiner Herstellung und seine Verwendung zur Herstellung von Penicillin-G-Amidase.

Penicillin-G-Amidase, auch bezeichnet als Penicillin-Acylase (Penicillin-G-Amidohydrolase, E.C. 3.5.1.11) katalysiert die Spaltung von Penicillin G in 6-Aminopenicillansäure und Phenylelessigsäure. 6-Aminopenicillansäure ist die Vorstufe einer großen Reihe von industriell hergestellten semisynthetischen Antibiotika. Es besteht daher ein Bedürfnis nach großen Mengen dieses Enzyms.

Eine Möglichkeit, dies zu erreichen, besteht darin, das Penicillin-G-Amidase-kodierende Gen in ein Plasmid zu klonieren, das in hoher Kopienzahl (ca. 50) in der Zelle vorliegt. Hierbei wurde jedoch nur eine Steigerung um einen Faktor 5 gegenüber dem induzierten Ausgangsstamm ATCC 11105 beobachtet (Mayer, H., Collins, J., Wagner, F., (1979) in: Plasmids of Medical, Environmental and Commercial Importance (Timmis, K.N. und Pühler, A., Eds) 459-469. Elsevier/North-Holland Biomedical Press, Amsterdam). Versuche, das Penicillin-G- Amidase-kodierende Gen in einem geeigneten Expressionsvektor zu einer hohen Syntheseleistung zu bringen, ergaben, daß dies zur Lyse der Wirtszellen führt. Dies zeigt, daß durch erhöhte Expression des Wildtyp Allels des Penicillin-G-Amidase-kodierenden Gens das erstrebte Ziel einer hohen Syntheseleistung nicht zu erreichen ist.

Die Information für ein Enzym ist in der Desoxyribonukleinsäure (DNA) enthalten. Diese DNA wird durch eine DNA-abhängige RNA-Polymerase in mRNA (Boten-Ribonukleinsäure) übersetzt. Die so synthetisierte mRNA wird an den Ribosomen in Protein übersetzt, dabei bestimmen jeweils 3 Nukleotide (Triplett oder Codon) - nach den Gesetzen des genetischen Codes - den Einbau einer bestimmten Aminosäure.

Kontrollbereiche auf DNA-Ebene bestimmen an welcher Stelle ein Strang der DNA in mRNA übersetzt wird (Promotorsequenzen) bzw. an welcher Stelle die Synthese der mRNA gestoppt wird (Terminationssequenzen).

Stop- und Startsequenzen sind ebenso auf der Ebene der Proteinsynthese (Translation) bekannt. Dabei bestimmt im allgemeinen ein ATG (das in f-Methionin übersetzt wird) den Beginn eines Proteins und z. B. ein TAA oder ein TAG das Ende der Translation.

Die Erkenntnisse zur Genexpression sind z. B. beschrieben in B. Lewin, Gene Expression, Vol. 1, 1974, John Wiley + Sons LTD.

Die Neukombination von DNA-Bruchstücken erfolgt bekanntlich in der Art, daß zunächst mit Nukleasen, die bestimmt DNA-Sequenzen "erkennen", die DNA an den diese Sequenzen enthaltenden Stellen geschnitten wird. Da eine große Zahl von Restriktionsendonukleasen bekannt ist, welche jeweils bestimmte DNA-Stellen schneiden, lassen sich DNA-Sequenzen in ganz bestimmter Weise nach Wunsch zerschneiden durch Auswahl der passenden Nukleasen. Solche Restriktionsendonukleasen machen entweder glatte

oder überstehende Enden in die doppelsträngige DNA. Die Verknüpfung von glatten bzw. überstehenden Enden erfolgt durch Ligasen genannte Enzyme, meistens mit Hilfe des Enzyms T₄-DNA-Ligase.

Der Erfindung liegt nun die Aufgabe zugrunde, das oben erwähnte Problem, das Enzym Penicillin-G-Amidohydrolase in großen Mengen zur Verfügung zu stellen, zu lösen.

Insbesondere ist es ein Ziel der Erfindung, einen Expressions-Vektor von Penicillin-G-Amidohydrolase zu schaffen, der eine hohe Syntheseleistung bringt, ohne zur Lyse der Wirtszellen zu führen.

Gelöst wird diese Aufgabe erfindungsgemäß durch ein zur Expression von Penicillin-G-Amidase geeignetes Plasmid, welches dadurch gekennzeichnet ist, daß es ein inkomplettes Penicillin-G-Amidase-Gen trägt, dem die ersten 78 Basen der translatierten Region am 5' Ende des kompletten Gens fehlen.

Ein Plasmid stellt ein extrachromosomales DNA-Molekül dar. Dieses Molekül trägt die Information, sich selbst zu vermehren (Replikationsursprung) und zusätzlich ein oder mehrere selektionierbare Eigenschaften, z. B. eine Resistenz gegen ein Antibiotikum. Diese Eigenschaften erlauben es, bevorzugt solche Wirtszellen zu erkennen, die das gewünschte Plasmid tragen. Diese Plasmide haben weiterhin die Eigenschaft, daß sie spezifisch mit dem einen oder anderen Restriktionsenzym an bestimmten Stellen gespalten werden können. Anschließend kann nach Zufügen von anderen z. B. mit Restriktionsenzymen gespaltenen DNA-Bruchstücken unter Verknüpfung der Enden

ein neues Plasmid geschaffen werden. Eine Anzahl von Plasmiden, die besonders für derartige Manipulationen geeignet sind, ist bereits im Handel erhältlich, z. B. Plasmid pBR 322.

Die Anwendung der Methoden der DNA-Neukombination: DNA-Spaltung und Zusammenfügen von geeigneten DNA-Fragmenten zum neuen Plasmid der Erfindung erfolgt außerhalb der Zelle im Reagenzglas. Das resultierende neue Expressionsplasmid kann durch einen Prozeß, der als Transformation bekannt ist, in eine neue Wirtszelle (Mikroorganismus) überführt werden. Unter der Voraussetzung, daß der DNA-Abschnitt, der das gewünschte Genprodukt kodiert, sich unter der Kontrolle von geeigneten Transkriptions- und Translationsstarts befindet, kann durch diesen Mikroorganismus die Polypeptidsequenz des Enzyms exprimiert werden. Das Genprodukt kann, falls dies notwendig ist, nach Lyse der Wirtszellen und weiteren Reinigungsschritten von anderen Proteinen getrennt erhalten werden.

Die Erfindung basiert auf der überraschenden Erkenntnis, daß das natürliche Penicillin-G-Amidasegen aus einem Genabschnitt, der ein Polypeptid von 846 Aminosäuren codiert und einer vorgeschalteten Promotorsequenz besteht, wobei für die ungenügende Syntheseleistung des kompletten Gens bei Expression durch einen Mikroorganismus nach vorherigem Einbau in ein Plasmid anscheinend vor allem ein Peptid von 54 Aminosäuren, welche die Positionen 236 bis 289 einnehmen, verantwortlich ist. Entfernt man daher die hierfür codierenden Basen 705 bis 867 des Gens, so wird die Expressionshemmung beseitigt.

Man erhält so zwei Genabschnitte, die zwei verkürzte, mit Methionin beginnende Polypeptide kodieren. Diese kürzeren Polypeptide sind, wenn sie zusammen exprimiert werden, miteinander biologisch aktiv und scheinen dem natürlich vorkommenden, aus zwei Untereinheiten bestehenden Enzym zu entsprechen. Das erfindungsgemäße Plasmid kann daher das inkomplette Penicillin-G-Amidase-Gen auch in Form von zwei getrennten Bruchstücken, die durch diese beiden Genabschnitte dargestellt werden, eingebaut enthalten, wobei diese Bruchstücke mit Base Nr. 79 bzw. Nr. 868 beginnen und eine Deletion der kodierenden Basen von 705 bis 867 vorliegt, gezählt vom 5'-Ende des kompletten Gens aus. Da das komplette Gen 2568 Basen enthält, wird im folgenden derjenige Genabschnitt, der mit Base 79 beginnt und mit Base 705 endet und die eine Untereinheit des biologisch aktiven erfindungsgemäß erhaltenen Enzyms kodiert als Genabschnitt der kleinen Untereinheit (alpha) und der mit Base 868 beginnende und mit Base 2541 (einschließlich Stopcodon) oder 2538 (nur translatierte Region) endende Genabschnitt, der die zweite Untereinheit des erfindungsgemäß erhaltenen aktiven Enzyms kodiert, als Genfragment der großen Untereinheit (beta) bezeichnet.

Es wird angenommen, daß beim natürlichen Enzym im Rahmen der sogenannten Proteinreifung erst das biologisch aktive Enzym gebildet wird unter Spaltung des primär erzeugten Proteins und Bildung von zwei Untereinheiten, die dann zum aktiven Enzym zusammen-treten. Da die Proteinreifung ein limitierendes Ereignis für die Enzymexpression darstellt, läßt sich durch Anordnung der zwei getrennten Genabschnitte für die alpha- und die beta-Untereinheit eine weitere Erhöhung der Expression von biologisch aktivem Enzym gemäß der

Erfindung erzielen. Vor jedem Genabschnitt wird dann ein Startkodon neu eingefügt, in der Regel in Form des Kodons ATG. Neben diesen Kodons müssen am 5'-Ende des jeweiligen "inkompletten" Gens gemäß der Erfindung auch Promotorsequenzen eingefügt sein, die die Übersetzung in mRNA ermöglichen, vorzugsweise der lac-Promotor oder der trp-Promotor. Andere Promotoren können aber ebenfalls verwendet werden.

Das erfindungsgemäße Plasmid enthält vorzugsweise zur besseren Erkennbarkeit von Mikroorganismen, die dieses Plasmid enthalten, wenigstens ein Resistenzgen gegen Chloramphenicol, Tetracyclin oder/und Kanamycin. In einem Medium, das eines der dem jeweils vorhandenen Resistenzgen entsprechendes Antibiotikum enthält, wachsen daher nur solche Mikroorganismen, welche das erfindungsgemäße Plasmid enthalten. Ein derartiges Resistenzgen ist jedoch für die Erfindung an sich nicht notwendig.

Ein weiterer Gegenstand der Erfindung sind Mikroorganismen, die durch einen Gehalt an wenigstens einem Plasmid nach einem der Ansprüche 1 bis 9 gekennzeichnet sind. Enthält dabei das erfindungsgemäße Plasmid nur das Genbruchstück für die große oder für die kleine Untereinheit, so ist zur Bildung des biologisch aktiven Enzyms gemäß der Erfindung entweder erforderlich, daß der Mikroorganismus sowohl ein Plasmid mit dem Genfragment

- 7 -

für die kleine Untereinheit als auch ein Plasmid mit dem Genfragment für die alpha-Untereinheit bzw. ein Plasmid, das beide Untereinheiten kodiert, enthält. Wahlweise ist es aber auch möglich, daß ein Mikroorganismus nur ein Plasmid für eine der beiden Untereinheiten enthält. In diesem Falle kann die Züchtung des Mikroorganismus im Gemisch mit einem weiteren Mikroorganismus, der das Plasmid für die andere Untereinheit enthält, erfolgen. Vorzugsweise wird dabei im letzteren Fall für beide Plasmide der gleiche Wirtsmikroorganismus verwendet. Alternativ kann die Züchtung der beiden Mikroorganismen, welche je eine Enzymuntereinheit bilden, getrennt erfolgen. Dann werden erst die Extrakte vermischt unter Bildung eines aktiven Enzyms. Als Wirtsorganismen können die in der Gentechnik allgemein verwendeten Wirtsorganismen, vorzugsweise Derivate des E. coli K12-Stammes, verwendet werden. Besonders gute Ergebnisse wurden mit den E. coli Stämmen 54-2 $\Delta(\text{lac}, \text{pro}) \text{ rec A}, \text{ rps1}, \text{ F}'\text{lac i}^q$, DSM 3066 und DS 410, min A, min B, rps1, sup⁺, DSM 3065 und DSM 3058 erzielt.

In einer bevorzugten Ausführungsform trägt ein E. coli Stamm 3058 das erfindungsgemäße Plasmid pBT 212. Damit läßt sich nach dem Aufschluß der Zellen und nach 4- bis 8stündiger Inkubation des Zellextraktes die aktive Penicillin-G-Amidase bestehend aus der α - und der β -Untereinheit gewinnen.

Für die Herstellung der erfindungsgemäßen Plasmide verwendet man zweckmäßig bekannte und größtenteils handelsübliche Ausgangsplasmide, welche sich speziell für die Expression in bestimmten Mikroorganismen besonders eignen. Beispielsweise eignet sich das Plasmid pBR 322, ein handelsübliches Plasmid, besonders

für Expression in allen E. coli Stämmen und wird daher auch im Rahmen der Erfindung vorzugsweise verwendet. Die nachstehende Beschreibung der Herstellung erfindungsgemäßer Plasmide geht daher von Derivaten des Plasmids pBR 322 aus, die ihrerseits teilweise wieder handelsüblich sind oder in bekannter Weise aus diesem Plasmid hergestellt werden können. Jedoch sind für andere Wirtsorganismen als E. coli andere Basisplasmide besser geeignet und wird daher ein nicht zu den E. coli gehörender Wirtsorganismus verwendet, so geht man zweckmäßig von einem Plasmid aus, das in diesem Wirtsorganismus besonders gut exprimiert wird. Derartige Plasmide sind dem Fachmann bekannt und brauchen hier nicht näher erläutert zu werden. Sie sind z. B. beschrieben in ATCC Catalogue of Strains I.

Die Herstellung der erfindungsgemäßen Plasmide erfolgt nach an sich bekannten Methoden, indem geeignete natürlich vorkommende oder durch synthetische Linker erzeugte Restriktionsschnittstellen dazu verwendet werden, das inkomplette Penicillin-G-Amidase-Gen unter die Kontrolle eines funktionstüchtigen Promotors zu bringen. Beispiele für geeignete Promotoren sind der tac-Promotor (F. Amann, J. Brosius, M. Ptashne, Gene 1983) und der lac-Promotor (L. Guarente et al., Cell (1980) 20, 543-553).

Im folgenden wird die Erfindung in Verbindung mit der beigefügten Zeichnung näher beschrieben. In dieser stellen dar:

Fig. 1 die Nukleotid- und Proteinsequenz des kompletten Penicillin-G-Amidohydrolase-Gens,

- Fig. 2 im oberen Teil eine schematische Darstellung der für die Klonierung relevanten Restriktionsendonuklease-Schnittstellen und im unteren Teil die relevanten Aminosäuresequenzen der Amino- und Carboxytermini der kleinen und der großen Untereinheiten der gereiften Penicillin-Amidohydrolase,
- Fig. 3 schematisch die Konstruktion eines Fusionsproteins, das von Sequenzen der Penicillin-G-Amidase und β -Galactosidase codiert wird.
- Fig. 4 bis 6 zeigen die Konstruktion des Plasmids pBT 212, welches zur Expression eines Proteins geeignet ist, welches die Sequenz der Penicillin-G-Amidase enthält und zum aktiven Enzym gereift werden kann.
- Fig. 7 und 8 zeigen die Konstruktion des erfindungsgemäßen Plasmids pBT 1000, DSM 3068P, welches die große Untereinheit der Penicillin-G-Amidase codiert und deren Expression bewirken kann.
- Fig. 9 die Konstruktion des erfindungsgemäßen Plasmids pBT 702, DSM 3067P, welches die kleine Untereinheit der Penicillin-G-Amidase codiert und deren Expression bewirken kann.

Die nachstehend beschriebene Herstellung von DNA-Präparationen, Schneiden von DNA mit Restriktionsnukleasen, Zusammenfügen von DNA-Fragmenten und die Bedingungen für die Transformation von Wirtsorganismen sind an sich bekannt und beschrieben beispielsweise in Advanced

Bacterial Genetics (1980), Cold Spring Harbor Laboratory von R. W. Davis, D. Botstein und J. R. Roth sowie in Molecular Cloning (1982) Cold Spring Harbor Laboratory von T. Maniatis, E. F. Fritsch und J. Sambrook.

Fig. 1 zeigt das komplette Penicillin-G-Amidase-Gen aus 2538 translatierten Nukleotiden in der Orientierung von 5' nach 3', d. h. der kodierenden mRNA entsprechend. Es bestimmen jeweils 3 (Triplett) der 4 möglichen Nukleotide A, G, C und T eine Aminosäure (obere Reihe). Das im erfindungsgemäßen Plasmid enthaltene inkomplette Penicillin-G-Amidase-Gen beginnt mit dem Triplett GAG in Position 79 bis 81, welches Glu codiert. An dieser Stelle beginnt auch das die kleine Untereinheit codierende Fragment. Das die große Untereinheit des Enzyms kodierende Fragment beginnt in Position 868 mit dem Triplett AGC, welches die Aminosäure Ser codiert und endet bei Position 2538 mit dem Triplett AGA für Arg. Daran schließt sich noch das Stopkodon TAA an, welches im erfindungsgemäßen Plasmid enthalten sein kann aber nicht muß. Das die kleine Untereinheit codierende Genfragment endet mit der Aminosäure Ala mit dem Triplett GCA an Position 703-705.

Die erfindungsgemäß dargestellten Plasmide berücksichtigen für die Konstruktion auf DNA-Ebene exakt die aufgrund der Proteinsequenz erhaltenen Carboxy- und Amino-termini der gereiften Untereinheiten. Es ist jedoch bekannt, daß in vielen Fällen Hinzufügen oder Entfernen von Aminosäuren am Carboxy- bzw. am Aminotermminus die Enzymaktivität nicht beeinflußt. So enthält z. B. das in Fig. 3 dargestellte zwischen Penicillin-G-Amidase und β -Galactosidase hergestellte Fusionsprotein neben

den Aminosäuren der β -Galactosidase am Aminotermius noch ca. 120 Aminosäuren der Pen-G-Amidase. Dieses Fusionsprotein zeigt die Enzymaktivität der β -Galactosidase. Daher umfaßt die Erfindung auch derartige Abänderungen, soweit die Enzymaktivität dabei erhalten bleibt.

Fig. 2 erläutert dies näher und zeigt unten schematisch jeweils den Beginn der kleinen und der großen Untereinheit, deren Molekulargewicht und das Ende. Oben sind die Spaltstellen für eine Reihe von Nukleasen angegeben, die bei der in den Beispielen beschriebenen Konstruktion ausgenützt werden.

Aus obigem ergibt sich, daß ein erfindungsgemäßes Plasmid die in Fig. 1 gezeigte Nukleotidsequenz, beginnend bei Base Nr. 79, eine der beiden die beiden Bruchstücke kodierenden Fragmente, die mit Base 79 bzw. 868 beginnen und mit Base 705 bzw. 2538 enden oder beide Bruchstücke getrennt voneinander enthält. Erfindungsgemäß werden diese Plasmide zur Herstellung von Penicillin-G-Amidase verwendet, indem man einen Mikroorganismus, der das erfindungsgemäße Plasmid bzw. erfindungsgemäße Plasmide enthält, unter Expression des Enzyms züchtet und das Enzym aus dem Mikroorganismus oder/und der Kulturbrühe gewinnt. Als Mikroorganismus wird hierbei E. coli K12 54-2 oder DS 410 bevorzugt. Letzterer Stamm zeichnet sich durch besondere Stabilität gegen Lyse durch Überproduktion des periplasmatischen Enzyms Penicillin-G-Amidase aus. Die folgenden Beispiele erläutern die Erfindung weiter.

B e i s p i e l 1

Herstellung des Plasmids pBT 212 (Fig. 3 bis 6 der Zeichnung) und pBT 702 (Fig. 9 der Zeichnung).

Als Ausgangsplasmid wird pBT E1-11, DSM 3061 verwendet. Dieses Plasmid enthält ein ca. 3 Kb großes Penicillin-G-Amidase kodierendes Gen C, welches in Fig. 3 als dicker schwarzer Strich schematisch dargestellt ist). Die Basensequenz dieses Gens ist in Fig. 1 gezeigt. Es kodiert das ebenfalls in Fig. 1 dargestellte enzymatisch aktive Polypeptid von 846 Aminosäuren. Dieses Polypeptid wird beim natürlichen vollständigen Gen dreimal post-translational gespalten. Das hierbei von den Positionen 1 bis 26 abgespaltene Peptid hat die Größe und die Eigenschaften eines Leader-Peptids (auch als Signal-peptid bezeichnet). Zur erfindungsgemäßen Konstruktion der Penicillin-G-Amidase ohne dieses Leader-Peptid wird vom Plasmid pBT 142, DSM 3059, ausgegangen. Dieses Plasmid kodiert ein Protein, das aminoterminal aus etwa 120 Aminosäuren der Penicillin-G-Amidase besteht und an das distal die β -Galactosidase, beginnend mit der fünften Aminosäure, fusioniert ist.

Plasmid pBT E1-11 (Fig. 3) wird mit der Restriktionsendonuklease Hpa I gespalten und ein 6 Kb-großes Fragment nach Größentrennung in einem niedrigschmelzenden Agarosegel isoliert. Von jedem Ende dieses DNA-Fragments werden mit der Exonuclease Bal 31 ca. 500 Basenpaare (Bp) entfernt.

Plasmid pBT 117, DSM 3063 (Fig. 3) enthält das β -Galactosidase- Gen ohne Regulationssequenzen, d. h. ohne Promotor und Operator und ohne Startsignal (ATG). Aus

Plasmid pBT 117 wird nach Spaltung mit Bam HI und Pst I und Auffüllung bzw. Abspaltung der überstehenden Enden durch DNA- Polymerase I (Klenow-Fragment) in Gegenwart der 4-Desoxy-Ribonukleotid-Triphosphate (dATP, dTTP, dCTP und dGTP) durch Größenfraktionierung in einem niedrig- schmelzenden Agarose-Gel ein 5,5 Kb-großes Fragment isoliert (Fig. 3). 1 µg dieses Fragments wird mit 0,2 µg des 5 Kb-großen Fragments aus pBT E1-11 über Nacht mit 10 Einheiten T₄-Ligase inkubiert. Der Ligierungsansatz wird in den Stamm E. coli K12 54-2 transformiert. Die Selektion erfolgt auf Indikatorplatten, die X-Gal (Miller, J. H., (1972) in: Experiments in Molecular Genetics, Cold Spring Harbor Laboratory, 47-55) und Ampicillin enthalten. Plasmide von β-Galaktosidase-positiven Klonen wurden durch Spaltung mit Eco RI charakterisiert, eines dieser Plasmide ist pBT142 (Fig. 3).

40 µg des Plasmids pBT142 wurden mit Hind III und Hind II vollständig gespalten und nach Größenfraktionierung ein 800 Bp-Fragment isoliert, dieses Fragment wurde mit Dde I gespalten und so ein 480 Bp-großes Fragment erhalten (Fig. 4). Nach Reinigung dieses Fragments durch Größenfraktionierung in einem niedrighschmelzenden Agarose-Gel, wurde das zurückstehende Ende mit DNA-Polymerase I (Klenow-Fragment) und den Desoxy-Ribonukleotid-Trisphosphaten dTTP und dCTP um 2 Nukleotide aufgefüllt. 0,1 µg des Fragments werden mit 1 Einheit S1 Nuklease in einem Puffer, der 200 mmol/l NaCl, 50 mmol/l Na-acetat pH 4,5, 1 mmol/l ZnSO₄ und 0,5 % Glycerin enthielt, für 30 Minuten bei 30°C inkubiert. Hierdurch wird das am 5'-Ende überstehende Ribonukleotid dTMP abgespalten.

Das resultierende DNA-Fragment enthält ein glattes Ende und das erste Triplet (GAG) kodiert die erste Aminosäure (Glu) der gereiften Form der kleinen Untereinheit der Penicillin-G-Amidase. Um einen Start der Proteinsynthese zu gewährleisten, wird vor das Triplet GAG ein ATG angefügt.

Über die Phosphotriester Methode (Crea, R., Kaszewski, A., Hiros, T., Itakura, K., (1978) Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 75, 5765-5769) wird ein Eco-ATG-Linker mit der Basenfolge

5'CATGGAATTCATG3'

3'GTACCTTAAGTAC5'

synthetisiert.

Der Linker wird mit Polynukleotidkinase phosphoryliert und ein 100-facher Überschuß dieses Linkers wird mit Hilfe von T₄-Ligase an das wie vorher beschrieben glatte Ende des Dde I-Fragments ligiert. Anschließend wird mit 100 Einheiten Eco RI vollständig gespalten und ein 0,27 Kb-Fragment über ein Agarose-Gel isoliert.

Plasmid pKK177-3, DSM 3062 wird mit Eco RI und Pst I vollständig gespalten. Über Größenfraktionierung im Agarosegel wird ein 2,9 Kb großes Fragment isoliert.

pBT117 wird limitiert mit Eco RI und vollständig mit Pst I gespalten. Durch Größenfraktionierung im Agarosegel wird daraus ein 5,5 Kb-großes Fragment isoliert (Fig. 5).

Ca. 100 ng des 2,9 Kb Vektor-Fragments aus pKK177-3 werden mit 200 ng des 5,5 Kb lac Z-Fragments aus pBT117 und 100 ng des 270 Bp-großen Eco RI-Fragments über Nacht mit 10 Einheiten T_4 -Ligase ligiert (Fig. 5). Nach Transformation von *E. coli* 54-2 wurden β -Galaktosidase-positive Klone auf X-gal Indikatorplatten (Miller, J., H., (1972) in: Experiments in Molecular Genetics, Cold Spring Harbor Laboratory, 47-55) identifiziert. Durch Eco RI-Spaltung der Plasmid-DNA und Sequenzanalyse wird die gewünschte Konstruktion im Plasmid pBT II/3, DSM 3060 bestätigt (Fig. 5). Über die Eco RV-Spaltstelle kann die β -Galaktosidase-kodierende DNA entfernt und die Penicillin-Amidohydrolase-kodierende Region restauriert werden (Fig. 6). Plasmid pBT II/3 wird mit Hind III vollständig gespalten, die überstehenden Enden werden mit Polymerase I (Klenow-Fragment) und den 4-Desoxy-Ribonukleotid-Triphosphaten aufgefüllt, mit Eco RV wird vollständig gespalten und anschließend ein 3,1-Kb-Fragment nach Größenfraktionierung isoliert. Aus pBT El-11 wird ein 2,5 Kb-Fragment über Eco RV- und Ava I-Spaltung isoliert. Vor der Eco RV-Spaltung wurden die überstehenden Ava I-Enden mit Polymerase I (Klenow-Fragment) und allen 4 Desoxy-Ribonukleotid-Triphosphaten gerade gemacht. Beide Fragmente (3,1 Kb und 2,5 Kb) werden in gleichen Mengenverhältnissen mit T_4 -Ligase ligiert. Das resultierende Plasmid ist pBT212, DSM 3058. Dieses Plasmid kodiert eine Penicillin-G-Amidase ohne Signalsequenz (Fig. 6).

Aus Plasmid pBT212 wird durch Spaltung mit Eco RI und Hpa I ein ca. 720 Bp Fragment isoliert, aus diesem Fragment wird einerseits nach Spaltung mit Dde I ein ca. 400 Bp Eco RI, Dde I Fragment und andererseits nach Spaltung mit Alu I und Eco RV ein 410 Bp Fragment isoliert.

An das Eco RV, Alu I Fragment wird nach Denaturierung des Doppelstrangs ein 27mer-Primer mit der Sequenz

5' CCA AGC TTA TTA TGC TGT TTG CGA GTT 3'

hybridisiert.

Dieser nach der Phosphotriestermethode synthetisierte Primer (Crea et al., 1978, Proc. Natl. Acad. Sci, USA, 75, 5765-5769) ist homolog zum Gegenstrang von Position 691 bis 705, enthält das Stopkodon TAA 2-mal und eine Hind III-Erkennungssequenz.

Mit DNA-Polymerase (Klenow-Fragment) und den für die DNA-Synthese notwendigen Desoxytriphosphaten wird das nicht-hybridisierende 3'-Ende exonukleolytisch abgespalten und der Strang von 5' in Richtung 3' aufgefüllt. Die DNA wird mit Hind III und Dde I gespalten, und ein ca. 250 Bp Fragment isoliert. Das mit Eco RI und Hind III gespaltene Vektormolekül pKK1 77-3, das ca. 0,4 kb Eco RI, Dde I Fragment und das ca. 0,25 kb Dde I, Hind III Fragment werden mit Hilfe des Enzyms T4-Ligase verknüpft (siehe Fig. 9).

Das so gebildete Plasmid kodiert die kleine Untereinheit (alpha) der Penicillin-Amidohydrolase und trägt die Bezeichnung pBT 702, DSM 3067P.

B e i s p i e l 2

Der das Plasmid pBT 212 tragende E. coli-Stamm DSM 3058 wird über Nacht bei 37°C in Vollmedium in Gegenwart vom Induktor Isopropylthiogalaktosid (IPTG) angezogen. Die

Zellen werden geerntet, aufgeschlossen und der Zellextrakt für 4 bis 8 Stunden bei 30°C inkubiert. Analyse der durch die Nachinkubation bei 30°C entstandenen Produkte im SDS-Acrylamid-Gel zeigt, daß eine Reifung des Vorläuferproteins in die α - und β -Untereinheit der Penicillin-G-Amidase stattfindet. Mit dem Auftreten der beiden Untereinheiten kann Enzymaktivität gemessen werden, d. h. proteolytische Spaltung und korrekte Faltung zum aktiven Enzym findet im Zellextrakt statt.

Durch Anreicherung der spezifischen Protease ist daher eine quantitative Spaltung des Vorläuferproteins zum aktiven Enzym möglich.

B e i s p i e l 3

Konstruktion eines Plasmids zur Expression der großen Untereinheit (β) der Penicillin-G-Amidase:

Zur Konstruktion eines neuen Startsignals (ATG) am Beginn der großen Untereinheit wurde die Technik einer Primer-gestarteten DNA-Synthese verwendet. Die große Untereinheit beginnt an Position 868 des sequenzierten Gens mit der Aminosäurefolge Ser, Asn, Met. Über die Phosphotriestermethode (Crea, R., Kaszewski, A., Hirose, T., Itakura, K., (1978) Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 75, 5765-5769) wurde ein 25mer Primer mit der Basenfolge:

Met Ser Asn Met Trp Val
5'GGAATTC ATG AGC AAT ATG TGG GTT3'

synthetisiert.

Dieser Primer enthält die Erkennungssequenz für die Restriktionsendonuklease Eco RI, ein ATG-Startkodon und die Basensequenz für die ersten 5 Aminosäuren der großen Untereinheit der Penicillin-G-Amidohydrolase (Fig. 7).

Aus Plasmid pBT E1-11 wurde durch Spaltung mit Hpa I und nach Größentrennung im Agarose-Gel ein 1,7 Kb-Fragment isoliert, dieses Fragment wird mit Taq I vollständig nachgespalten und ein 0,30 Kb-Fragment isoliert. Ca. 0,5 µg dieses Fragments werden durch Erhitzen für 5 Minuten bei 100°C denaturiert, 300 pMol des unbehandelten 25mer Primers werden zu dem Ansatz gegeben und auf Raumtemperatur abkühlen lassen. Nach Zugabe von 10 Einheiten DNA-Polymerase I (Klenow-Fragment) und allen 4 Desoxy-Ribonukleotid-Triphosphaten wird für 3 Stunden bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend mit Ava II und Eco RI vollständig gespalten. Nach Größentrennung in einem 2,5%igen niedrigschmelzenden Agarose-Gel wird die Region, in der ein Fragment mit einer Größe von 60 Bp bandieren würde, ausgeschnitten, phenolysiert, die Probe ausgeethert und die DNA mit Ethanol gefällt.

Plasmid pKK177-3 wird mit Hind III und Eco RI vollständig gespalten. Durch Größenfraktionierung in einem 0,8%igem Agarose-Gel wird ein 2,9 Kb großes Hind III-Eco RI-Fragment isoliert.

Plasmid pBT E1-11 wird mit Hind III und Ava II vollständig gespalten. Durch Größenfraktionierung in einem 0,8%igen Agarose-Gel wird ein 2,5 Kb Hind III-Ava II-Fragment isoliert (Fig. 8).

Je 0,1 µg dieser Fragmente werden zu dem Ethanol-gefäll-
ten 60 Bp-Eco RI-Ava II-Fragment gegeben. Nach Ligierung
über Nacht wurde der E. coli-Stamm 54-2 transformiert,
die Kolonien auf Schleicher/Schüll BA 85 Nitrozellulose-
Filterpapier gestempelt und diese Filter auf LB Agar-
platten, die 20 µg/ml Ampicillin enthielten, transfe-
riert. Nach 6 Stunden Wachstum wurden die Filter auf
LB-Agarplatten, die 20 µg/ml Ampicillin und 12,5 µg/ml
Chlorampenicol enthielten, übertragen und über Nacht
wachsen lassen. Die DNA der Kolonien wurde denaturiert
und an Nitrozellulose-Filterpapier fixiert und an-
schließend mit dem radioaktiv-markierten 25mer Primer
hybridisiert (mit Änderungen nach Davis, R., W., Botstein,
D., Roth, J., R., (1980) in: Advanced Bacterial Genetics,
Cold Spring Harbor Laboratory). Pro Filter wurden 10^6
cpm für die Hybridisierung eingesetzt. Nach Waschung
bei Raumtemperatur und bei 42°C wurden die getrockneten
Filter für 3 Stunden bei Raumtemperatur mit einem Fuji
RX Röntgenfilm exponiert. 15 Klone mit positivem Signal
wurden identifiziert, über Eco RI-Spaltung die neukon-
struierte Restriktionsstelle überprüft und die erwartete
DNA-Sequenz durch Sequenzierung bestätigt. Das resul-
tierende Plasmid trägt die Bezeichnung pBT1000, DSM
3068P (Fig. 8). Es codiert die große Untereinheit (β).
Sie wurde nachgewiesen durch SDS-Gelchromatographie
(64kD) und durch immunologische Identifizierung. An-
färbung mit Coomassie blue ergab, daß die β-Unterein-
heit ca. 30 bis 40 % des Gesamtproteins ausmacht.

B e i s p i e l 4

Expression der alpha-Untereinheit der Penicillin-
Amidohydrolase:

Der E. coli-Stamm K12 54-2, der Plasmid pBT 702 enthält,
wird 12 Stunden bei 30°C in LB-Medium angezogen, an-

schließlich 1:2 in Medium, das 2 mM IPTG enthält, verdünnt. Nach 4 Stunden Wachstum werden die Zellen geerntet, mit Ultraschall aufgeschlossen und die Bildung der alpha-Untereinheit auf SDS-Gel chromatographisch und immunologisch nachgewiesen. .

Dieses Ergebnis zeigt, daß von dem in pBT 702 enthaltenen inkompletten Gen die alpha-Untereinheit der Penicillin-G- Amidase kodiert wird.

B e i s p i e l 5

Die nach den Beispielen 1 und 3 erhaltenen Plasmide wurden in die kompatiblen Plasmide pACYC 184 und pBR322 kloniert und gemeinsam in die Wirtszelle E. coli K12 54-2 transformiert. Benzyl-penicillin-spaltende Aktivität kann nach De- und Renaturierung der Zellextrakte nachgewiesen werden.

In den obigen Beispielen und in der Zeichnung stellen die angegebenen Fragmentgrößen ungefähre Angaben dar, die durch Vergleich mit Größenmarkern in Agarose-Gel erhalten wurden. Die genaue Nukleotidanzahl in den Fragmenten kann der Fachmann anhand der angegebenen DNA-Sequenz und der damit erkennbaren Restriktionsspaltstellen bestimmen.

P a t e n t a n s p r ü c h e

1. Zur Expression von Penicillin-G-Amidase geeignetes Plasmid, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß es ein inkomplettes Penicillin-G-Amidase-Gen trägt, dem die ersten 78 Basen der translatierten Region am 5' Ende des kompletten Gens fehlen.
2. Plasmid nach Anspruch 1, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß das inkomplette Penicillin-G-Amidase-Gen in Form von zwei getrennten Bruchstücken eingebaut vorliegt, die mit Base 79 bzw. 868 beginnen, gezählt vom Beginn der translatierten Region am 5' Ende des Gens und eine Deletion der kodierenden Basen 705 bis 867 aufweisen.
3. Plasmid nach Anspruch 1, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß das translatierte inkomplette Penicillin-G-Amidase-Gen mit Base 79 beginnt und mit Base 705 endet.
4. Plasmid nach Anspruch 1, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß das translatierte inkomplette Penicillin-G-Amidase-Gen mit Base 868 beginnt und nach Base 2538 endet, bzw. mit Base 2541 endet.
5. Plasmid nach einem der Ansprüche 1 bis 4, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß mit dem 5'-Ende des inkompletten Penicillin-G-Amidase-Gen bzw. dessen Bruchstück die Basensequenz ATG verbunden ist.

6. Plasmid nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß es zusätzlich ein Resistenzgen gegen Chloramphenicol, Tetracyclin oder/und Kanamycin und einen bakteriellen Promotor enthält.
7. Plasmid nach Anspruch 6, dadurch gekennzeichnet, daß es den lac-Promotor oder den tac-Promotor unmittelbar vor dem Beginn des zu translatierenden neukonstruierten Genabschnittes enthält.
8. Plasmid pBT 702, DSM 3067P.
9. Plasmid pBT 1000, DSM 3068P.
10. Plasmid pBT 212 DSM 3058P.
11. Mikroorganismus, gekennzeichnet durch einen Gehalt an wenigstens einem Plasmid nach einem der Ansprüche 1 bis 10.
12. Mikroorganismen nach Anspruch 11 mit der Hinterlegungsnummer DSM 3057 (pBT 1000), DSM 3064 (pBT 702) und DSM 3058 (pBT 212).
13. Verfahren zur Herstellung des Plasmids von Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß man Plasmid pBT II/3 mit Nuklease Hind III vollständig spaltet und die überstehenden Enden mit Polymerase I, Klenow-Fragment und dATP, dTTP, dGTP und dCTP auffüllt, danach mit Nuklease Eco RV vollständig spaltet und das gebildete 3,1 Kb-Fragment isoliert,

Plasmid pBT El-11 mit Nuklease Ava I spaltet, die überstehenden Enden mit Polymerase 1 Klenow-Fragment und dATP, dTTP, dGTP, dCTP auffüllt, danach mit Nuklease Eco RV spaltet und das gebildete 2,5 Kb-Fragment isoliert, das 3,1 Kb-Fragment und das 2,5 kb-Fragment in gleichen Mengenverhältnissen mit T₄-Ligase ligiert und Plasmid pBT 212 erhält.

14. Verfahren zur Herstellung eines Plasmids nach Anspruch 3, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß man
- 1) die DdeI-Erkennungssequenz an Position 77-81 des in einem Plasmid vorliegenden Pen-G-Amidase-Gens öffnet, mit Desoxythymidin- und Desoxycytosin-Triphosphat in Gegenwart von DNA-Polymerase die zurückstehende Sequenz auffüllt, das am 5'-Ende überstehende Desoxythymidin mit der Nuklease S1 abspaltet und an die nun glatte Sequenz mit T4-Ligase einen Linker mit ATG-Startkodon und einer Restriktionsenzymkennungssequenz anhängt,
 - 2) aus dem Penicillin-G-Amidase-Gen nach Spaltung mit den Restriktionsendonukleasen Eco RV und Alu I ein 0,21 Kb-Fragment isoliert, denaturiert, dann mit einem Primer, der eine Erkennungssequenz für eine bestimmte Nuklease, daran gebunden ein oder mehrere Stopkodone, und an letztere die Basensequenz, die die Aminosäuren 235 bis 231 oder gegebenenfalls weniger oder mehr anschließende Aminosäuren kodiert, versetzt und in Gegenwart von Polymerase I (Klenow-Fragment) und den 4 für die DNA-Synthese notwendigen Desoxyribonukleotid-Triphosphaten inkubiert,

die erhaltene DNA mit Dde I und der den Primer-
erkennenden Nuklease spaltet und das erhaltene
Fragment von etwa 0,20 Kb mit einem geeigneten
Fragment der Penicillin-G-Amidase ligiert, so
daß

- a) eine Verknüpfung der durch Spaltung mit
Dde I-entstandenen überstehenden Enden
an Position 455 der DNA-Sequenz und
- b) eine Verknüpfung mit einem Expressions-
vektor entsteht.

15. Verfahren nach Anspruch 14, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t , daß man Plasmid
pBT 212 mit Eco RI und Dde I spaltet, ein 0,40
Kb-Fragment isoliert und einen Primer verwendet,
der eine Hind III-Erkennungssequenz und 2 Stopko-
done enthält, und daß man als Expressionsplasmid,
das mit Eco RI- und Hind III-gespaltene Plasmid
pKK177-3 verwendet.

16. Verfahren zur Herstellung des Plasmids nach
Anspruch 4, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t , daß man das
Penicillin-G-Amidase-Gen mit Hpa I und Taq I
spaltet, ein 300 Bp-Fragment isoliert und denatu-
riert, dann mit einem Primer, der eine Erken-
nungssequenz für eine bestimmte Nuklease, daran
gebunden das Startkodon ATG und an letzteres die
Basensequenz, welche die Aminosäuren 290 bis 294
und gegebenenfalls weitere oder aber auch weniger
anschließende Aminosäuren codiert, versetzt und in
Gegenwart von Polymerase I Klenow-Fragment und den
4 Desoxy-ribonukleotid-triphosphaten inkubiert,
die erhaltene DNA mit Ava II und der den Primer
erkennenden Nuklease spaltet und das erhaltene
Fragment von etwa 60 Bp Länge

- a) mit dem AvaII-HindIII-Fragment aus Plasmid pBT E1-11 und
 - b) mit einem durch Spaltung mit Hind III und der den Primer erkennenden Nuklease gebildeten Plasmidfragment ligiert.
17. Verfahren nach Anspruch 16, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß man das Hind III-Eco RI-Fragment von pKK 177-3 und einen Primer mit der Eco RI-Erkennungssequenz verwendet.
18. Verwendung eines Plasmids gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10 zur Gewinnung von Penicillin-G-Amidase durch Expression des Enzyms in einen Mikroorganismus, der das Plasmid enthält.
19. Verwendung eines Plasmids gemäß Anspruch 18, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß man ein Plasmid nach Anspruch 3 und ein Plasmid nach Anspruch 4 in einen gemeinsamen Wirts-Mikroorganismus exprimiert.
20. Verwendung eines Plasmids nach Anspruch 18, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß man ein Plasmid nach Anspruch 3 in einen ersten Wirts-Mikroorganismus und ein Plasmid nach Anspruch 4 in einen zweiten Wirts-Mikroorganismus exprimiert und deren Extrakte vermischt.
21. Verwendung eines Plasmids gemäß Anspruch 18, d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t , daß man ein Plasmid nach Anspruch 1 oder 2 in einen Wirts-Mikroorganismus exprimiert.

22. Verwendung eines Plasmids gemäß Anspruch 18 in E. coli 54-2, DSM 3066 oder DS 410, DSM 3065, DSM 3058 als Mikroorganismus.

FIG.1

AAGCTTCGTTGCTAGTATCAATTCGCTAATTATACACCTGCCAGAGGATACA

1	MetLysAsnArgAsnArgMetIleValAsnCysValThrAlaSerLeuMetTyrTyrTrp	20
1	ATGAAAAATAGAAATCGTATGATCGTGAACGTGTGTTACTGCTTCCTGATGTATTATTGC	60
	* * * * *	
21	SerLeuProAlaLeuAlaGluGlnSerSerSerGluIleLysIleValArgAspGluTyr	40
61	AGCTTACCTGCACTGGCTGAGCAGTCGTCAAGTGAGATAAAGATTGTTCCCGATGAATAC	120
	* * * * *	
41	GlyMetProHisIleTyrAlaAsnAspThrTrpHisLeuPheTyrGlyTyrGlyTyrVal	60
121	GGCATGCCGCATATTTATGCCAATGATACATGGCACCTATTTTATGCCTATGGCTATGTA	180
	* * * * *	
61	ValAlaGlnAspArgLeuPheGlnMetGluMetAlaArgArgSerThrGlnGlyThrVal	80
181	GTAGCACAAAGATCGCCTTTTTCAGATGGAAATGGCACGTCGCAGTACTCAAGGGACTGTC	240
	* * * * *	
81	AlaGluValLeuGlyLysAspPheValLysPheAspLysAspIleArgArgAsnTyrTrp	100
241	GCGGAAGTGCTTGGCAAAGATTTTGTGAAATTTGATAAAGATATCCGTCGTAAGTACTGG	300
	* * * * *	
101	ProAspAlaIleArgAlaGlnIleAlaAlaLeuSerProGluAspMetSerIleLeuGln	120
301	CCGGATGCTATCCGGGCGCAAATTGCTGCCCTTTCCCCAGAGGATATGTCCATTCTGCAA	360
	* * * * *	
121	GlyTyrAlaAspGlyMetAsnAlaTrpIleAspLysValAsnThrAsnProGluThrLeu	140
361	GGCTACGCTGATGGAATGAATGCCTGGATTGATAAGGTAATACCAATCCAGAGACGCTC	420
	* * * * *	
141	LeuProLysGlnPheAsnThrPheGlyPheThrProLysArgTrpGluProPheAspVal	160
421	TTACCAAACAGTTTAATACATTTGGCTTTACTCCTAAGCCCTGGGAACCGTTTGATGTC	480
	* * * * *	
161	AlaMetIlePheValGlyThrMetAlaAsnArgPheSerAspSerThrSerGluIleAsp	180
481	GCGATGATATTTGTGGGCACCATGGCAAACCGCTTCTCTGATAGCACTAGCGAAATTGAT	540
	* * * * *	
181	AsnLeuAlaLeuLeuThrAlaLeuLysAspLysTyrGlyValSerGlnGlyMetAlaVal	200
541	AATCTGGCACTGCTAACGGCTTTAAAGATAAATATGGTGTATCACAAGGCATGGCGGTA	600
	* * * * *	

201	PheAsnGlnLeuLysTrpLeuValAsnProSerAlaProThrThrIleAlaValGlnGlu	220
601	TTTAATCAGTTGAAATGGCTGGTAAACCCATCAGCGCCAACCACTATTGCCGTACAAGAG	660
	* * * * *	
221	SerAsnTyrProLeuLysPheAsnGlnGlnAsnSerGlnThrAlaAlaLeuLeuProArg	240
661	AGTAAC TACCCACTTAAATTTAATCAGCAAAACTCGCAACAGCAGCTCTGTTGCCACGC	720
	* * * * *	
241	TyrAspLeuProAlaProMetLeuAspArgProAlaLysGlyAlaAspGlyAlaLeuLeu	260
721	TACGATTTACCTGCACCAATGCTTGACCGACCAGCAAAAGGGCGGATGGCGCACTGCTG	780
	* * * * *	
261	AlaLeuThrAlaGlyLysAsnArgGluThrIleValAlaGlnPheAlaGlnGlyGlyAla	280
781	GCGTTAACAGCAGGGAAGAACCGGGAACCTATTGTTGCACAATTTGCACAGGGTGGTGCC	840
	* * * * *	
281	AsnGlyLeuAlaGlyTyrProThrThrSerAsnMetTrpValIleGlyLysSerLysAla	300
841	AATGGTCTGGCGGGGTATCCAACGACCAGCAATATGTGGGTTATCGGCAAAAGCAAAGCC	900
	* * * * *	
301	GlnAspAlaLysAlaIleMetValAsnGlyProGlnPheGlyTrpTyrAlaProAlaTyr	320
901	CAGGATGCGAAAGCAATCATGGTAAATGGTCCGCAGTTTGGCTGGTATGCGCCTGCGTAT	960
	* * * * *	
321	ThrTyrGlyIleGlyLeuHisGlyAlaGlyTyrAspValThrGlyAsnThrProPheAla	340
961	ACTTATGGTATTGGTCTGCACGGTCTGGTTATGATGTCACTGGCAATACACCATTTGCC	1020
	* * * * *	
341	TyrProGlyLeuValPheGlyHisAsnGlyValIleSerTrpGlySerThrAlaGlyPhe	360
1021	TATCCTGGGCTGGTTTTTGGTCATAATGGTGTGATTTCTGGGGATCAACGGCAGGTTTC	1080
	* * * * *	
361	GlyAspAspValAspIlePheAlaGluArgLeuSerAlaGluLysProGlyTyrTyrLeu	380
1081	GGCGATGATGTCGATATTTTTGCTGAACGGCTGTCCGCAGAGAAACCAGGCTACTACTTG	1140
	* * * * *	
381	HisAsnGlyLysTrpValLysMetLeuSerArgGluGluThrIleThrValLysAsnGly	400
1141	CATAATGGTAAGTGGGTGAAAATGTTAAGCCGTGAGGAAACCATTACGGTGAAAAATGCT	1200
	* * * * *	
401	GlnAlaGluThrPheThrValTrpArgThrValHisGlyAsnIleLeuGlnThrAspGln	420
1201	CAGGCAGAGACCTTTACTGTCTGGCGTACGGTGCATGGCAACATTCTCCAAACTGACCAG	1260
	* * * * *	
421	ThrThrGlnThrAlaTyrAlaLysSerArgAlaTrpAspGlyLysGluValAlaSerLeu	440
1261	ACGACACAAACGGCTTACGCTAAATCCCGCGCATGGGATGGTAAAGAGGTGGCGTCTTTG	1320
	* * * * *	

441	LeuAlaTrpThrHisGlnMetLysAlaLysAsnTrpGlnGluTrpThrGlnGlnAlaAla	460
1321	CTGGCCTGGACTCATCAGATCAAGGCCAAAAATTGCCAGGAGTGGACACAGCAGGCAGCG	1380
	* * * * *	
461	LysGlnAlaLeuThrIleAsnTrpTyrTyrAlaAspValAsnGlyAsnIleGlyTyrVal	480
1381	AAACAAGCACTGACCATCAACTGGTACTATGCTGATGTAAACGGCAATATTGGTTATGTT	1440
	* * * * *	
481	HisThrGlyAlaTyrProAspArgGlnSerGlyHisAspProArgLeuProValProGly	500
1441	CATACTGGTGTCTTATCCAGATCGTCAATCAGGCCATGATCCGCGATTACCCGTTCTCTGGT	1500
	* * * * *	
501	ThrGlyLysTrpAspTrpLysGlyLeuLeuProPheGluMetAsnProLysValTyrAsn	520
1501	ACGGGAAAATGGGACTGGAAAGGGCTATTGCCCTTTTGAATGAACCCTAAGGTGTATAAC	1560
	* * * * *	
521	ProGlnSerGlyTyrIleAlaAsnTrpAsnAsnSerProGlnLysAspTyrProAlaSer	540
1561	CCCCAGTCGGGATATATTGCTAACTGGAACAATTCTCCCCAAAAGATTATCCCGCTTCA	1620
	* * * * *	
541	AspLeuPheAlaPheLeuTrpGlyGlyAlaAspArgValThrGluIleAspArgLeuLeu	560
1621	GATCTGTTTGCCTTTTTGTGGGGTGGTGCAGATCGCGTTACGGAGATCGACCGACTGCTT	1680
	* * * * *	
561	GluGlnLysProArgLeuThrAlaAspGlnAlaTrpAspValIleArgGlnThrSerArg	580
1681	GAGCAAAGCCACGCTTAAGTCTGCTGATCAGGCATGGATGTTATTCGCCAAACCAGTCGT	1740
	* * * * *	
581	GlnAspLeuAsnLeuArgLeuPheLeuProThrLeuGlnAlaAlaThrSerGlyLeuThr	600
1741	CAGGATCTTAACCTGAGGCTTTTTTTTACCTACTCTGCAAGCAGCGACATCTGGTTTGACA	1800
	* * * * *	
601	GlnSerAspProArgArgGlnLeuValGluThrLeuThrArgTrpAspGlyIleAsnLeu	620
1801	CAGAGCGATCCGCGTCGTCAGTTGGTAGAACATTAAACACGTTGGGATGGCATCAATTTG	1860
	* * * * *	
621	LeuAsnAspAspGlyLysThrTrpGlnGlnProGlySerAlaIleLeuAsnValTrpLeu	640
1861	CTAATGATGATGGTAAACCTGGCAGCAGCCAGGCTCTGCCATCCTGAACGTTTGGCTG	1920
	* * * * *	
641	ThrSerMetLeuLysArgThrValValAlaAlaValProMetProPheAspLysTrpTyr	660
1921	ACCAGTATGTTGAAGCGTACCGTAGTGGCTGCCGTACCTATGCCATTTGATAAGTGGTAC	1980
	* * * * *	
661	SerAlaSerGlyTyrGluThrThrGlnAspGlyProThrGlySerLeuAsnIleSerVal	680
1981	AGCGCCAGTGGCTACGAACAACCCAGGACGGCCCACTGGTTCGCTGAATATAAGTGTT	2040
	* * * * *	
681	GlyAlaLysIleLeuTyrGluAlaValGlnGlyAspLysSerProIleProGlnAlaVal	700
2041	GGAGCAAAAATTTTGTATGAGGCGGTGCAGGGAGACAAATCACCAATCCCACAGGCGGTT	2100
	* * * * *	

701	AspLeuPheAlaGlyLysProGlnGlnGluValValLeuAlaAlaLeuGluAspThrTrp	720
2101	GATCTGTTTGGCTGGGAAACCACAGCAGGAGGTTGTGTTGGCTGCGCTGGAAGATACCTGG	2160
	* * * * *	
721	GluThrLeuSerLysArgTyrGlyAsnAsnValSerAsnTrpLysThrProAlaMetAla	740
2161	GAGACTCTTTCCAAACGCTATGGCAATAATGTGAGTAACTCGAAAACACCTGCAATGGCC	2220
	* * * * *	
741	LeuThrPheArgAlaAsnAsnPhePheGlyValProGlnAlaAlaAlaGluGluThrArg	760
2221	TTAACGTTCCGGGCAAATAATTTCTTTGGTGTACCGCAGGCCGAGCGGAAGAAACGCGT	2280
	* * * * *	
761	HisGlnAlaGluTyrGlnAsnArgGlyThrGluAsnAspMetIleValPheSerProThr	780
2281	CATCAGGCGGAGTATCAAAACCGTGGAACAGAAAACGATATGATTGTTTTCTACCAACG	2340
	* * * * *	
781	ThrSerAspArgProValLeuAlaTrpAspValValAlaProGlyGlnSerGlyPheIle	800
2341	ACAAGCGATCGTCCTGTGCTTGGCTGGGATGTGGTCGCACCCGGTCAGAGTGGGTTTATT	2400
	* * * * *	
801	AlaProAspGlyThrValAspLysHisTyrGluAspGlnLeuLysMetTyrGluAsnPhe	820
2401	GCTCCCGATGGAACAGTTGATAAGCACTATGAAGATCAGCTGAAAATGTACGAAAATTTT	2460
	* * * * *	
821	GlyArgLysSerLeuTrpLeuThrLysGlnAspValGluAlaHisLysGluSerGlnGlu	840
2461	GGCCGTAAGTCGCTCTGGTTAACGAAGCAGGATGTGGAGCGGCATAAGGAGTCGCAGGAA	2520
	* * * * *	
841	ValLeuHisValGlnArg *	860
2521	GTGTTGCACGTTTCAGAGATAA	2580
	* * * * *	

FIG. 2

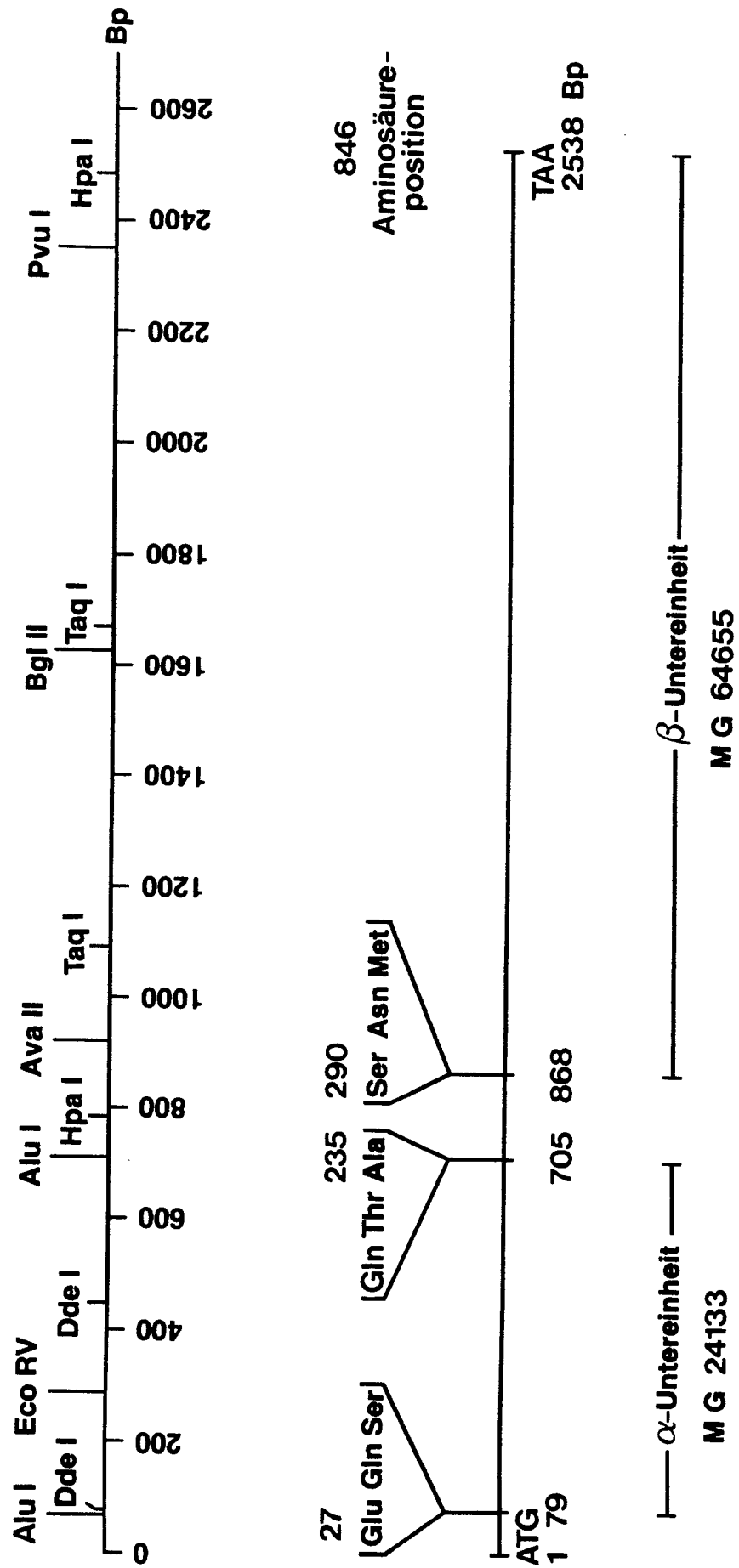


FIG. 3

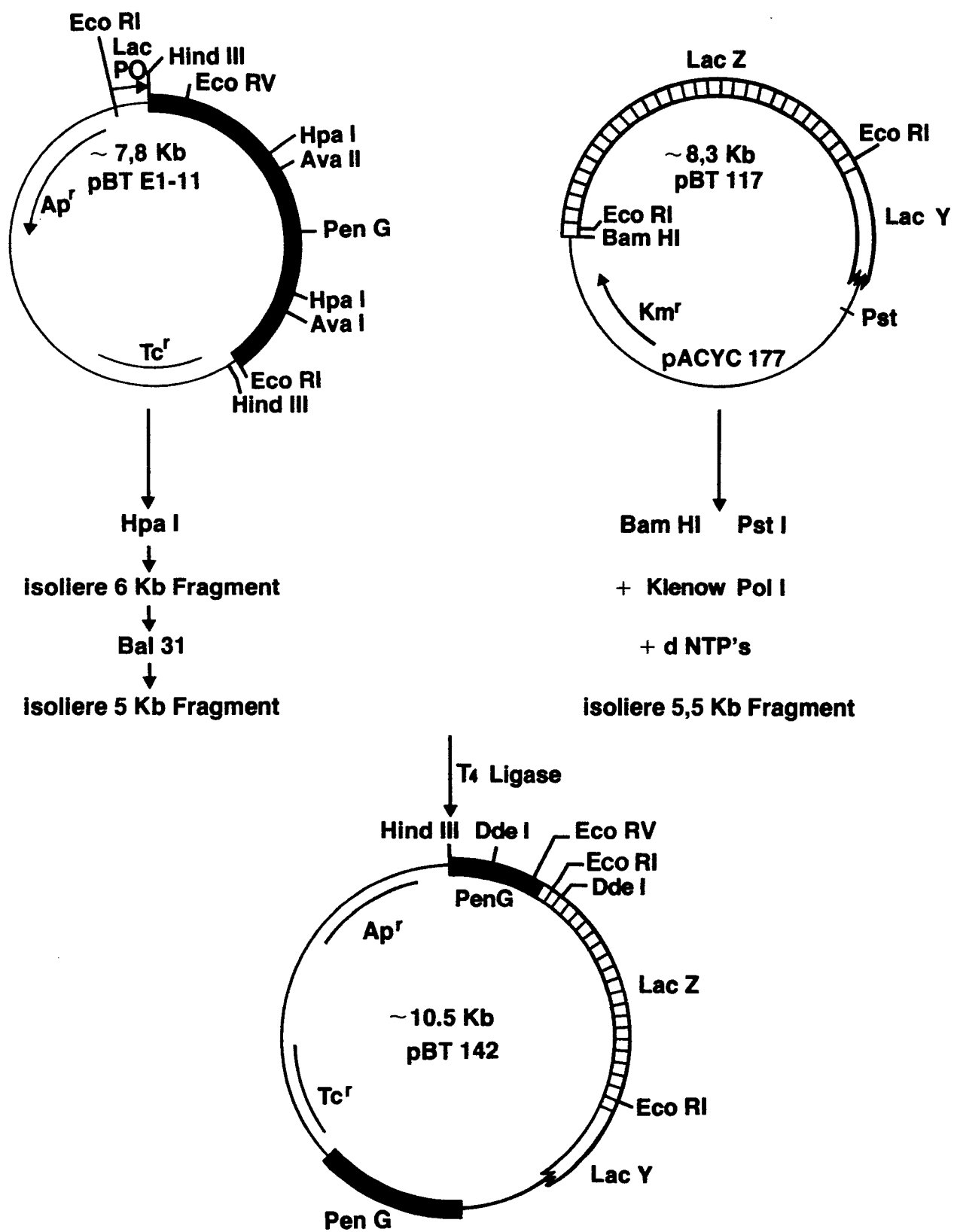


FIG. 4

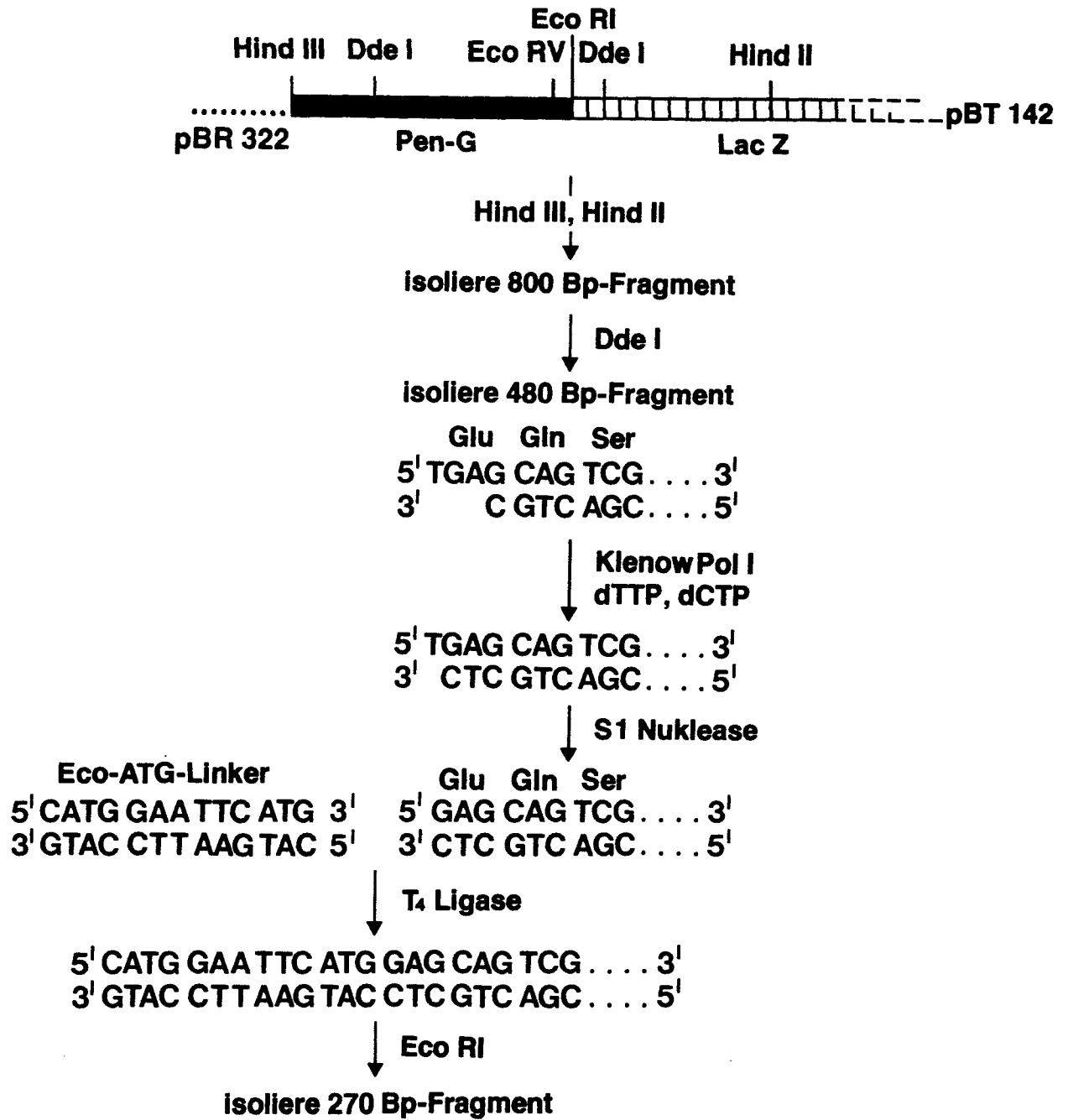
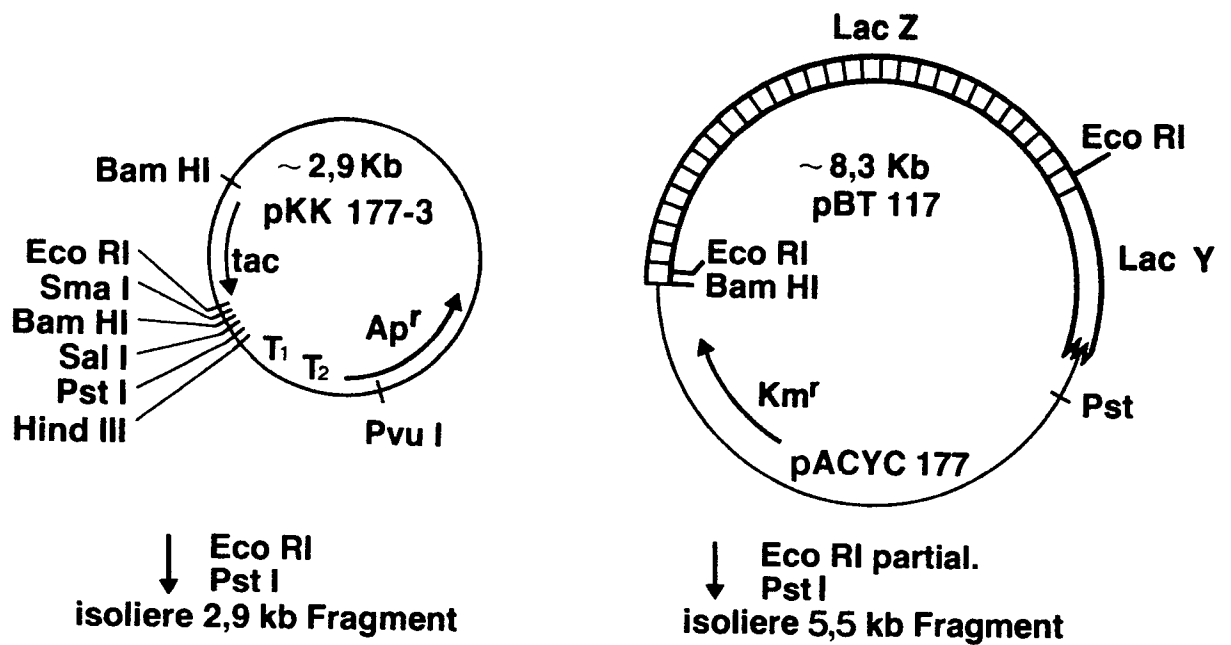


FIG. 5



+ 270 Bp *Eco RI* Fragment

5' AATTC ATG GAG CAG TCG . . . 3'
 3' G TAC CTC GTC AGC . . . 5'

T₄ Ligase

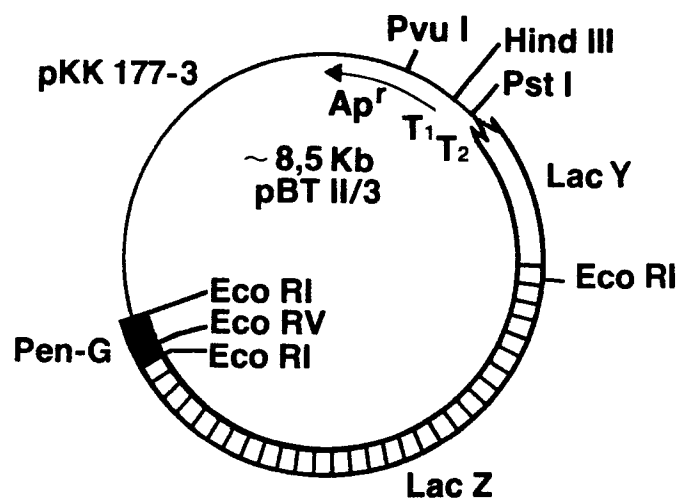


FIG. 6

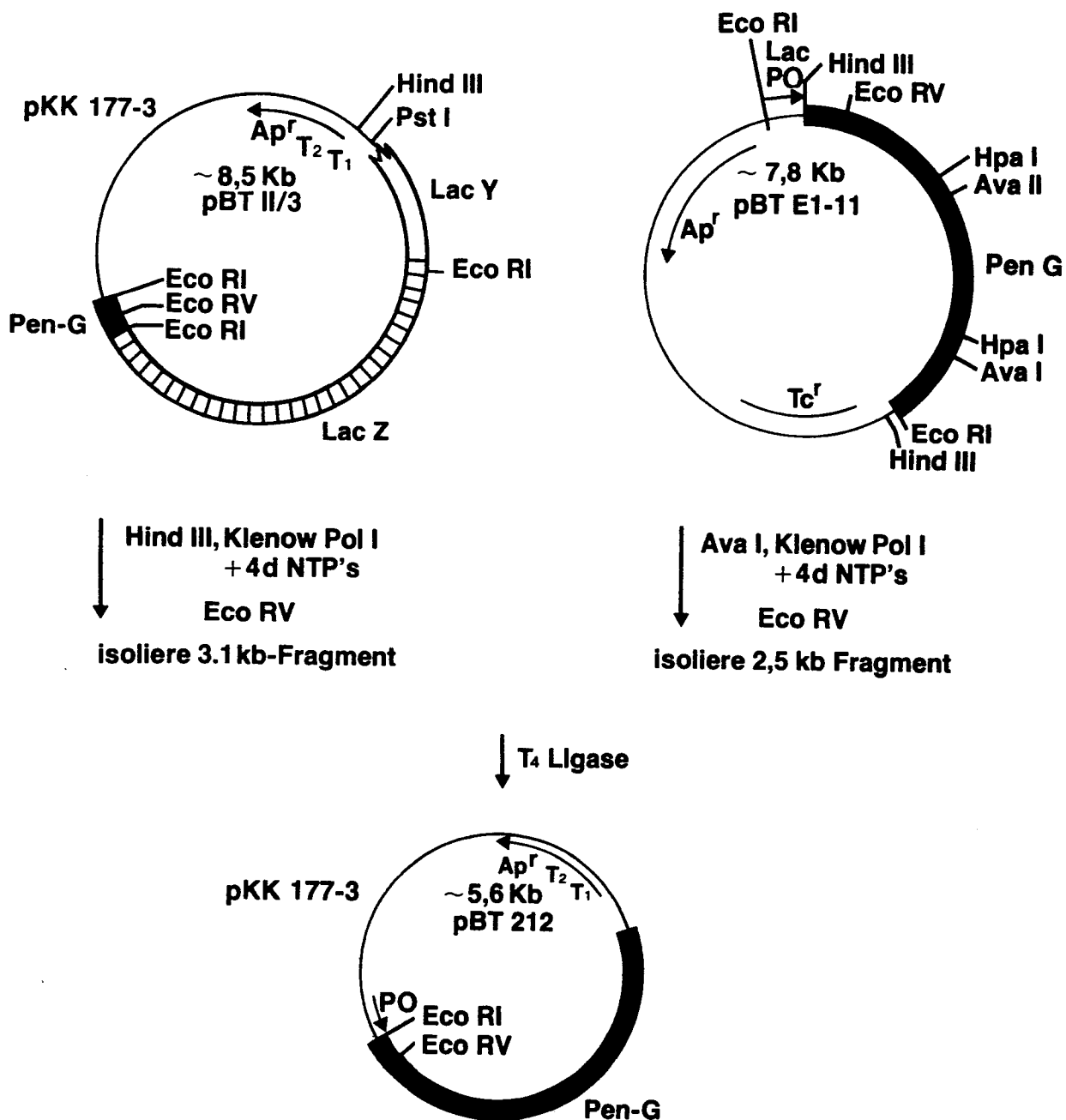


FIG.7

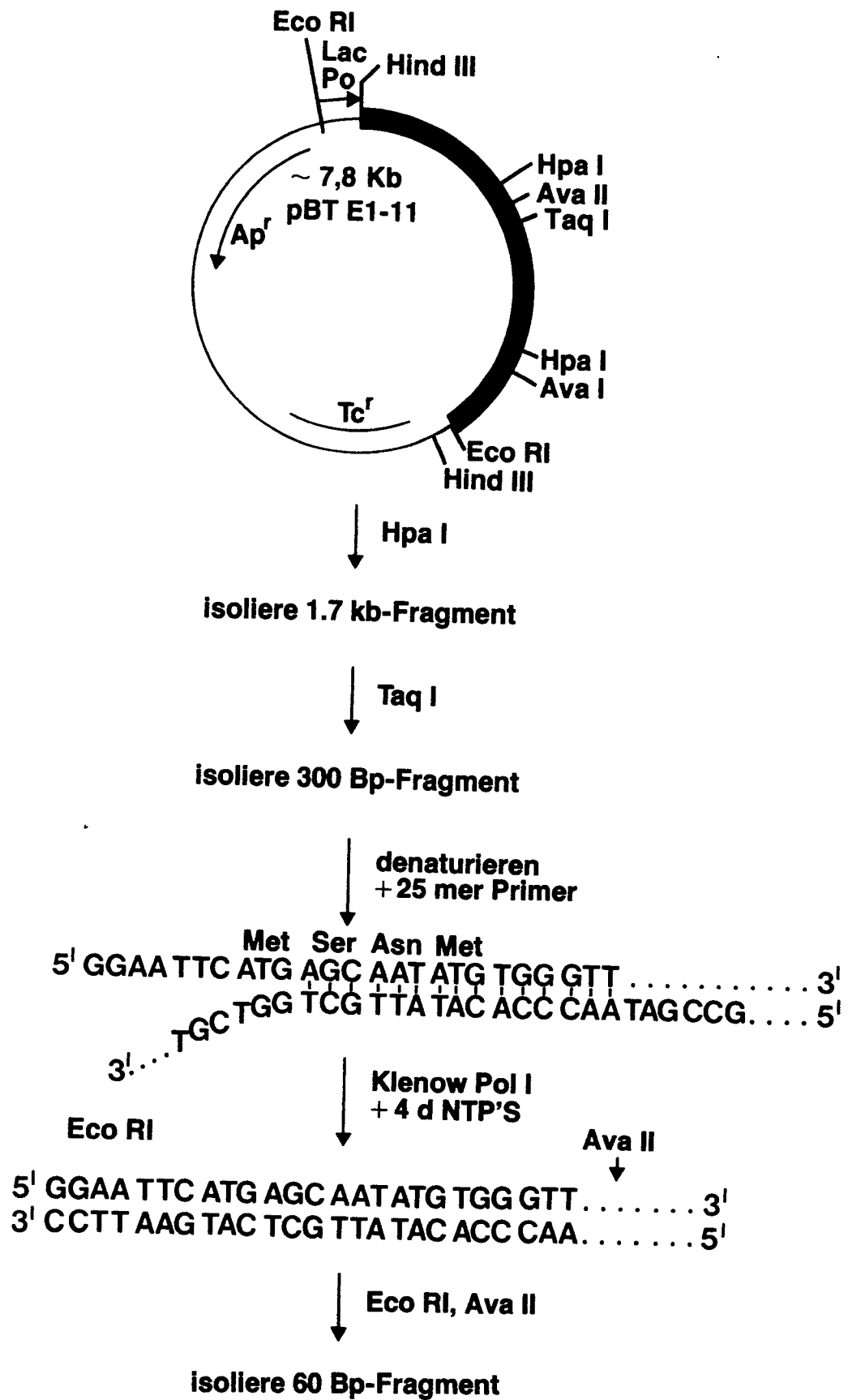


FIG.8

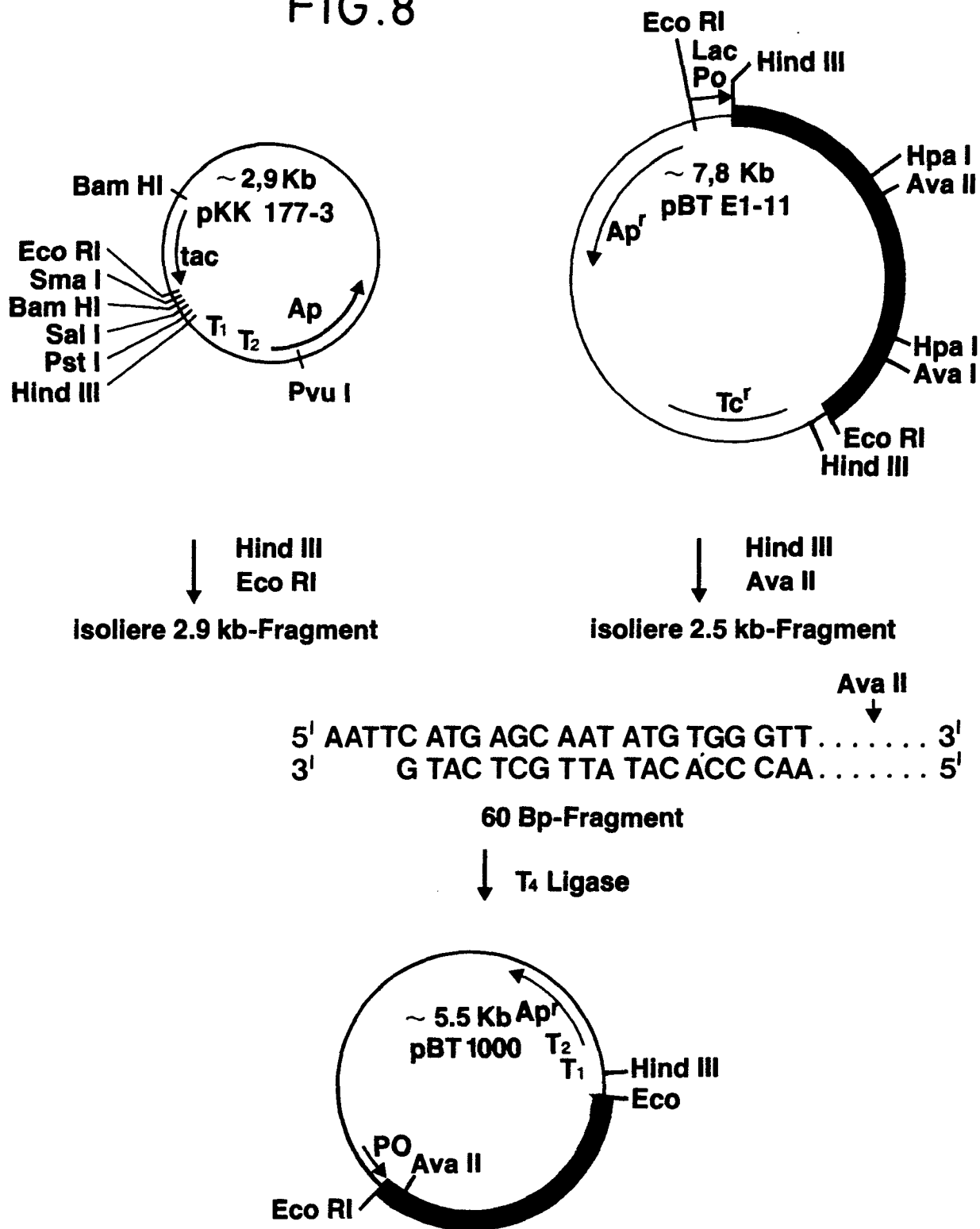


FIG.9

